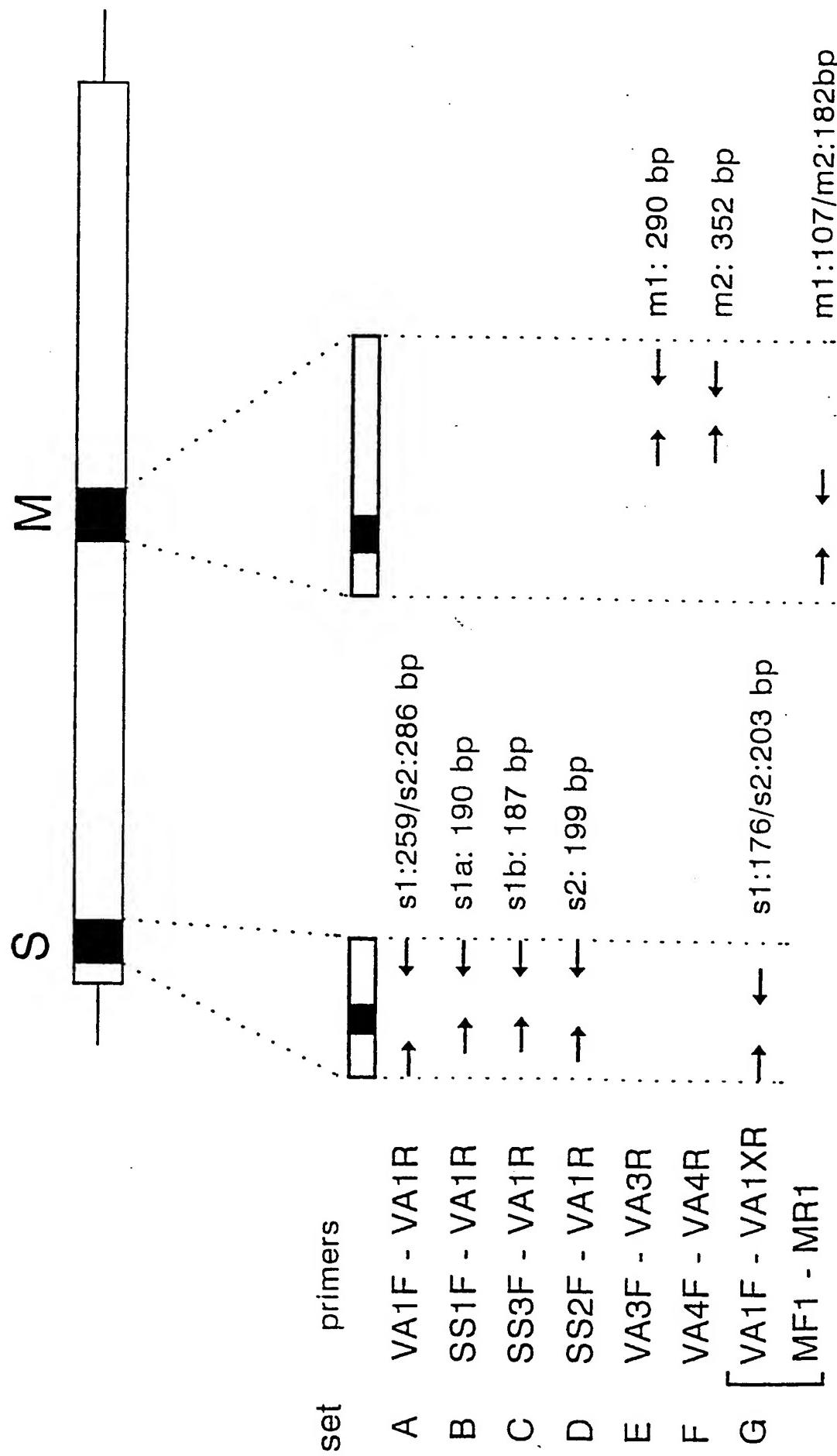


Figure 1



1
 CT145_S1 ATGAAATACAACAAAACAGCCGCAAATCAATGCCCTCTGGTTCTCT
 F30_VA1F -----
 F31_VA1F -----N-----
 F74_VA1F G-----Y-----
 C4062_VA1F -----T-A-----
 C4330_VA1F -----
 C4705_VA1F -----
 C5625_VA1F G-----T-A-----
 C4619_VA1F -----A-----
 43504_VA1F -----
 F67_VA1F -----T-A-----
 F68_VA1F -----T-A-----C
 F73_VA1F -----TGA-----
 F76_VA1F -----T-A-----
 F42_VA1F -----T-A-----
 F12_VA1F CTA-----T-A-----
 F25_S1 -----T-A-----
 F31_VA1F -----T-A-----
 F43_VA1F -----T-----
 F63_VA1F -----T-A-----
 F69_VA1F -----T-A-----
 F70_VA1F -----T-A-----
 F46_VA1F -----
 F66_VA1F G-----T-A-----
 F8_VA1F -----T-----
 C4596_VA1F -----A-TA-----
 C4601_VA1F -----T-A-----
 C4602_VA1F -----T-A-----

	P ₁ S ₁ A	P ₁ S ₁	SS ₁ F
CT145_S1	CGCTTTAGTAGGAGCATTAAGCATCAACCGCAACATAAGTCATGCCG		
F30_VA1F	G-----		
F31_VA1F	-----N-----	N-----	
F74_VA1F	T-----GR-T-YRY-Y		
C4062_VA1F	-----G-GTT---G-----A-A-----		
C4330_VA1F	-----G-----		
C4705_VA1F	-----G-----		
C5625_VA1F	T-----G-----		
C4619_VA1F	-----G-----		
43504_VA1F	T-----G-----		
F67_VA1F	T-T-----C-----G-GA-T-GC-T		
F68_VA1F	T-T-----C-----G-GA-T-TC-T		
F73_VA1F	T-T-----C-----G-GA-T-GC-T		
F76_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T		
F42_VA1F	T-----C-----G-GA-T-GC-T		
F12_VA1F	T-----C-----G-GA-T-GC-T		
F25_S1	T-----C-----G-GA-T-GC-T	G-G-----	
F31_VA1F	T-----C-----G-GA-T-RC-T	G-G-----	
F43_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T	G-G-----	
F63_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T	G-G-----	
F69_VA1F	T-----C-----N-N-G-NA-T-TGC-T	N-N-----	
F70_VA1F	C-----G-GA-T-TGC-T	G-G-----	
F46_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T	G-G-----	
F66_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TGC-T	G-G-----	
F8_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T	G-G-----	
C4596_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TC-T	G-----	
C4601_VA1F	T-----C-----G-GA-T-TGC-T	G-G-----CT-----	
C4602_VA1F	T-----C-----G-GA-T-GC-T	G-G-----	

P₁S₁b P₁S₁b

SS₃F

Fig 2a - 1

101

07145_S1	CC.....CACAAACCGTCAATCATCCAGCCATTGTTGGGGTATCGCTACA
F30_VA1F	-----
F32_VA1F	-----N-----N-----
F74_VA1F	-----Y--R-----R-----
C4062_VA1F	-----
C4330_VA1F	-----
C4705_VA1F	-----T-----A-----
C5825_VA1F	-----
C4819_VA1F	-----
43504_VA1F	-----
F67_VA1F	-----G-----
F68_VA1F	-----
F73_VA1F	-----G-----
F76_VA1F	-----
F42_VA1F	-----G----N-----NNNN-----
F12_VA1F	-----
F25_S1	-----N-----
F31_VA1F	-----T-----N-----
F43_VA1F	-----
F63_VA1F	-----
F69_VA1F	-----N----N-----
F70_VA1F	-----G-----
F46_VA1F	-----
F86_VA1F	-----G-----
F6_VA1F	-----M-----G-----
C4598_VA1F	-----G-----
C4601_VA1F	-----
C4602_VA1F	-----G-----C-----

VA1XR

151

	GGCACCGCTTAGGAACGGTCTCAGGC-----TCCTAGCTGGGGCTCAAACA
C7145_S1	-----T-----A-----A-----
F30_VA1F	-----T-----A-----A-----
F32_VA1F	-----T-----T-----R-----
F74_VA1F	-----TG-T-----G-T-----
C4062_VA1F	-----G-T-----
C4330_VA1F	-----G-T-----
C4705_VA1F	-----G-T-----
C5825_VA1F	-----G-T-----T-----G-----A-----
C4819_VA1F	-----G-T-----
43504_VA1F	-----G-T-----
F67_VA1F	-----T-----
F68_VA1F	-----T-----
F73_VA1F	-----T-----
F76_VA1F	-----T-----
F42_VA1F	-----
F12_VA1F	-----G-T-----
F25_S1	-----N-----Y-----T-----A-----NW-----
F31_VA1F	-----YG-T-----
F43_VA1F	-----G-T-----
F63_VA1F	-----
F69_VA1F	-----
F70_VA1F	-----
F46_VA1F	-----G-T-----
F86_VA1F	-----
F6_VA1F	-----G-T-----T-----A-----
C4598_VA1F	-----G-T-----N-----Y-----NW-----
C4601_VA1F	-----G-T-----T-----A-----
C4602_VA1F	-----G-T-----T-----A-----

VA1-R

201

07145_S1 AGCCGAAGAAGCCATAAAACCCAGATAAACCGATAAAGTTGGCGCA
 F30_VA1F -----
 F32_VA1F -----
 F74_VA1F -----S-----R-----
 C4082_VA1F -----
 C4330_VA1F -----
 C4705_VA1F -----C-----G-----G-----C-----
 CS825_VA1F -----
 C4819_VA1F -----G-----C-----
 43504_VA1F -----
 F67_VA1F -----
 F68_VA1F ---Y---S---S---G--
 F73_VA1F -----
 F76_VA1F -----C-----G-----G-----C-----
 F42_VA1F -----
 F12_VA1F -----G--
 F25_S1 -----G-----
 F31_VA1F -----C-----G--
 F43_VA1F -----G-----
 F63_VA1F -----G-----
 F69_VA1F -----G-----
 F70_VA1F -----G-----TAT---A---CGAT---AG---T-GCGC
 F46_VA1F -----G-----
 F86_VA1F -----G-----TAT---A---C
 F8_VA1F -----G-----
 C4598_VA1F -----C-----G-----G-----C-----
 C4601_VA1F -----G-----
 C4602_VA1F -----G-----

251

TTCAGGAG

Seq ID N°

07145_S1	TTCAGGAG	40
F30_VA1F	-----	41
F32_VA1F	-----	42
F74_VA1F	-----	43
C4062_VA1F	-----	44
C4330_VA1F	-----	45
C4705_VA1F	-----	46
CS825_VA1F	-----	47
C4819_VA1F	-----	48
43504_VA1F	-----	49
F67_VA1F	-----	50
F68_VA1F	-----	51
F73_VA1F	-----	52
F76_VA1F	-----	53
F42_VA1F	-----	54
F12_VA1F	-----	55
F25_S1	-----	56
F31_VA1F	-----	57
F43_VA1F	-----	58
F63_VA1F	-----	59
F69_VA1F	-----	60
F70_VA1F	A-TC-AG	61
F46_VA1F	-----	62
F86_VA1F	-----	63
F8_VA1F	-----	64
C4598_VA1F	-----	65
C4601_VA1F	-----	66
C4602_VA1F	-----	

fig 2a-3

1
 29401_S2 ATGGAAATACAACAAAACAGCCGAAAATCAATGCCCTATTATTCCT
 F24_VA1F
 F28_VA1F VA1-F
 F90_VA1F
 C3964_VA1F -----C-----
 C4599_VA1F -----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

51
 29401_S2 CGCTTTAGTGGGGGTGTTATGGGCACCGAATGGGGCTAACACGCCAA
 F24_VA1F -----A-----T-----
 F28_VA1F -----T-----A-----
 F90_VA1F -----CA-----A-T-----A-----
 C3964_VA1F -----C-----T-----A-----
 C4599_VA1F -----C-----T-----A-----
 C4600_VA1F -----R-----A-----
 C6125_VA1F -----A-----A-----A-----

101
 29401_S2 ATGATCCCATACACAGCGAGAGTCGGCG-----TCACAACCGTGTCATT
 F24_VA1F -----C-----C-----
 F28_VA1F -----C-----C-----T-----
 F90_VA1F -----C-----C-----T-----
 C3964_VA1F -----C-----C-----T-----
 C4599_VA1F -----C-----C-----
 C4600_VA1F -----C-----C-----
 C6125_VA1F -----C-----T-----T-----T-----

5 general

151
 29401_S2 CCAGCCATTGTTGGGGTATCGCTACAGGCGCTCTGTAGGAACGGTTTC
 F24_VA1F -----C-----A-----C-----
 F28_VA1F -----C-----
 F90_VA1F -----C-----
 C3964_VA1F -----A-----T-----C-----
 C4599_VA1F -----C-----
 C4600_VA1F -----C-----
 C6125_VA1F -----C-----

201
 29401_S2 AGGGCTTCTTAGCTGGGGCTCAAACAGCGAAACAGCCATAAGCCC
 F24_VA1F -----T-----A-----G-----G-----A-----
 F28_VA1F -----C-----
 F90_VA1F -----TC-----
 C3964_VA1F -----
 C4599_VA1F -----
 C4600_VA1F -----
 C6125_VA1F -----

251
 29401_S2 CGGACAAAACCGATAAAGTTGGCGCTTCAGCAG Seq ID N°
 F24_VA1F -A-----63
 F28_VA1F --68
 F90_VA1F -69
 C3964_VA1F -----80
 C4599_VA1F -----81
 C4600_VA1F -----79
 C6125_VA1F -----73

Fig 2b - 1

M1 F

			<i>P₁H₁</i>
1	TTTAAAGGTGGATGCTCATACAGCTAATTAAAGGTATTGATAACGGTA		
05676_M	-	-	
07145_M	-	-	
F12_M	-	-	
F30_M	-	-	
43504_M	A	-	
F43_M	-	-	
F67_M	A	-	
C5654_M	-	-	T
C4602_M	A	-	
F32_M	-	-	
C4601_M	A	-	

	<i>P₂M₁</i>	M General	H1 R
51	ATGGTGGTTCAACACCTTAGATTTAGTGGTGTACAAACAAGGTCAAT		
05676_M	-	-	C G A
07145_M	-	-	GGT
F12_M	-	-	GGT
F30_M	-	G	C G A
43504_M	-	-	GGT
F43_M	-	C	GGT
F67_M	-	-	GGT
C5654_M	-	-	A
C4602_M	-	-	GGT
F32_M	-	-	GGT
C4601_M	-	-	GGT

	101		
05676_M	ATCAAACAGCTCATACGGCTTCCACTAATGTGGCGTTAAAAACTTCAA		
07145_M	-	-	
F12_M	C A	-	
F30_M	-	-	
43504_M	C A	A	
F43_M	C A	C	
F67_M	C A	C	
C5654_M	-	-	
C4602_M	A	-	
F32_M	C	AA	
C4601_M	C A	-	

	151		
05676_M	CATTAATGAATTGATTGTTAAAACCAATGGGGTGAGCGTGGGGAATACA		
07145_M	-	A A T	T
F12_M	-	T T	
F30_M	T G G	T	
43504_M	T G G	T	
F43_M	-	T	
F67_M	-	T	
C5654_M	- T G - G TT	T	
C4602_M	- G G -	A A T	

Fig 3a-1

F32_M -----T-G-----G-----T-----
 C4601_M -----A-A-----T-----

201
 05676_M CTCATTTAGCGAAGATATAGGCAGTCATCGCGCATCAATACCGTGCCT
 07145_M -----
 F12_M -----
 F30_M -----
 43504_M -----C-----
 F43_M -----
 F67_M -----
 C5654_M --T-----C-----
 C4602_M -----C-----
 F32_M -----C-----
 C4601_M -----A-----

251
 05676_M TTGGAAACTGGCACTAGGTCAATCTTTCTGGGGGTGTCAAATTAAAG Scq 10 N°
 07145_M -----C-T-C-----T-----G-----
 F12_M -----T-----G-----
 F30_M -----G-----
 43504_M -----A-----
 F43_M -----A-----C-----T-----G-----
 F67_M -----A-----C-----T-----G-----
 C5654_M -----A-----C-----T-----G-----
 C4602_M -----A-----
 F32_M -----A-----T-----G-----
 C4601_M -----A-----T-----G-----

14
15
16
17
18
19
20
21
22

Fig 3a - 2

29401_M	1	TTTAAGAGTGGATGCCCATACGGCTAATTAAATGGCAATATTTATCTGG	
05677_M		-----T-----A-----T-----	
F31_M		-----C-----T-----A-----T-----	
F24_M	C	-----T-----A-----T-----	T-----
F28_M		-----T-----A-----T-----	
F76_M		-----T-----A-----T-----	
F68_M		-----T-----A-----T-----	
F90_M		-----G-----T-----A-----T-----	T-----
C5625_M	C	-----T-----A-----T-----	T-----
C4084_M		-----T-----A-----T-----	
C4598_M	C	-----T-----A-----T-----	
		M1 F P1 H2	
29401_M	51	GAAAATCCACGAATTAGAGTGAATGGGCATACCGCTCATTTAAAAAC	
05677_M		-----G-----T-----	
F31_M		-----G-----T-----	
F24_M		-----G-----T-----	
F28_M		-----G-----T-----	
F76_M		-----G-----T-----	
F68_M		-----G-----T-----	
F90_M		-----G-----T-----	
C5625_M		-----G-----T-----	
C4084_M	A	-----G-----T-----	
C4598_M		-----G-----T-----	
		P2 H2	H general
29401_M	101	ATTGATGCTACAAAGAGCGATAACGGGCTAAACACTAGCACCTTGGAATT	
05677_M		-----C-----G-T-----	
F31_M		-----C-GC-----G-T-----	
F24_M		-----C-GT-----TG-T-----	
F28_M		-----C-GT-----C-T-----	
F76_M		-----C-GT-----T-T-----	
F68_M		-----C-GT-----G-T-----	
F90_M		-----C-GT-----GYT-----	
C5625_M		-----C-----G-T-----	
C4084_M		-----C-GT-----TG-T-----	
C4598_M		-----GT-----G-T-----	
		H R	
29401_M	151	CAGTGGCGTTACAGACAGAAGTCATATCAACAAGCTCACTACGGCTGCCA	
05677_M	T	-----T-----AT-----	
F31_M	C	-----C-----AT-----	
F24_M	T-C	-----T-----AT-----	
F28_M	C	-----T-----AT-----	
F76_M			AT-----
F68_M	Y-C	-----Y-----AT-----	
F90_M	T-C	-----Y-----AT-----	
C5625_M	C	-----T-----AT-----	

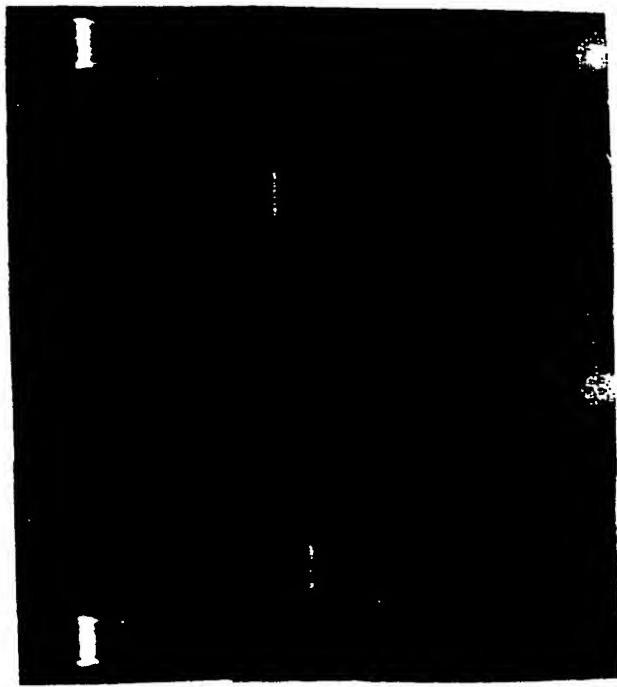
Fig 3b -1

C4084_M	G--C-----	A-----
C4598_M	T--C-----	AT-----
 201		
29401_M	CTAATGTGAATATTAAAAACTTGACATTAAGGAATTGGTGGTTACAACC	
05677_M	-----CG-C-----	A-----
F31_M	-----CG-----	G-----
F24_M	-----CG-----	
F28_M	-----C-----	A-----
F76_M	-----CG-----	
F68_M	-----CG-----	A-----
F90_M	-----CR-----	Y-----
C5825_M	-----C-----	
C4084_M	-----C-----	A-----G-----
C4598_M	-----C-----	
 251		
29401_M	CGTGTTCAGAGTTTTGGGCAATAACACTATTTTGGCGAAAATATAGGCAGA	
05677_M	-----A-----	
F31_M	-----	
F24_M	-----A-----A-----	
F28_M	-----A-----	
F76_M	-----C-----	
F68_M	-----A-----A-----	
F90_M	-----A-----A-----	
C5825_M	-----A-----A-----	
C4084_M	-----A-----	
C4598_M	-----A-----A-----	
 301		
29401_M	TAAGTCTCGCATTGGTGTGAGTTTGCAAAACGGGATATAGCCCGCCT	
05677_M	-----T-----	
F31_M	-----	
F24_M	-----T-----	
F28_M	---CTG-A-----	A-----
F76_M	-----T-----	
F68_M	-----T-----	
F90_M	-M-----T-----	R-----
C5825_M	-----	
C4084_M	-C-A-G-----T-----T-C-----	
C4598_M	-----	
 351		
29401_M	ATTCTGGGGCGTTACTTTAAAGG	Seq ID N°
05677_M	-----A-----	83
F31_M	-----A-----	84
F24_M	-----A-----	85
F28_M	-----GC-----A-----	86
F76_M	-----A-----	87
F68_M	-----A-----	88
F90_M	-----A-----	89
C5825_M	-----A-----	90
C4084_M	-----A-----	
C4598_M	-----A-----	91

Fig 3b - 2

Gastric biopsy 18

M A B C D E F G M

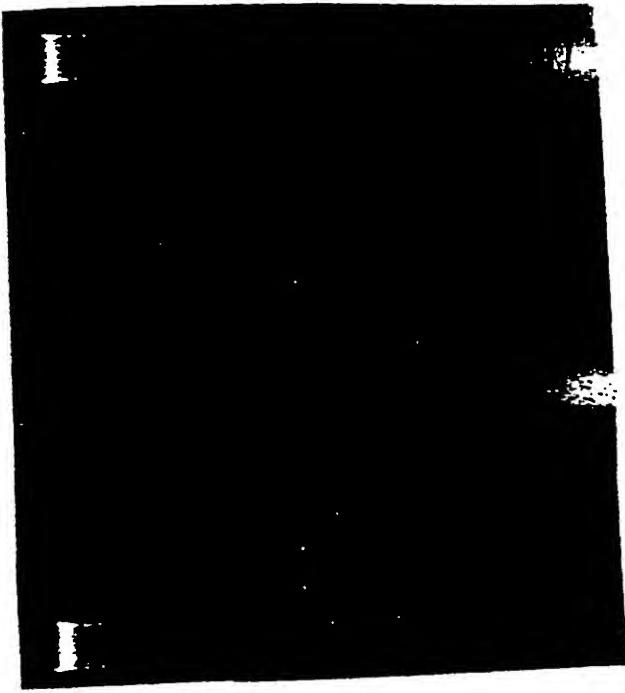


506/517
— 396
— 220
— 154
— 75

Fig. 4

Gastric biopsy 41

M A B C D E F G M



506/517
— 396
— 220
— 154
— 75

Fig. 5

isolate F67

M A B C D E F G M

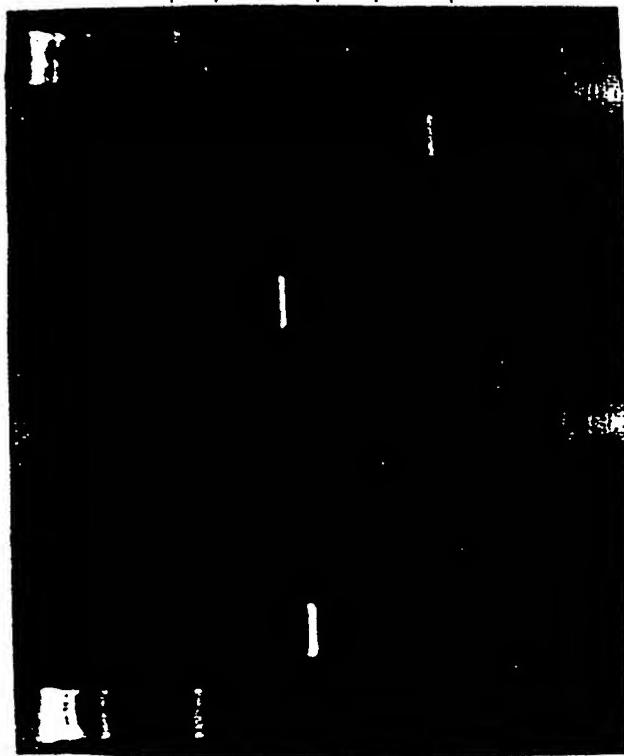
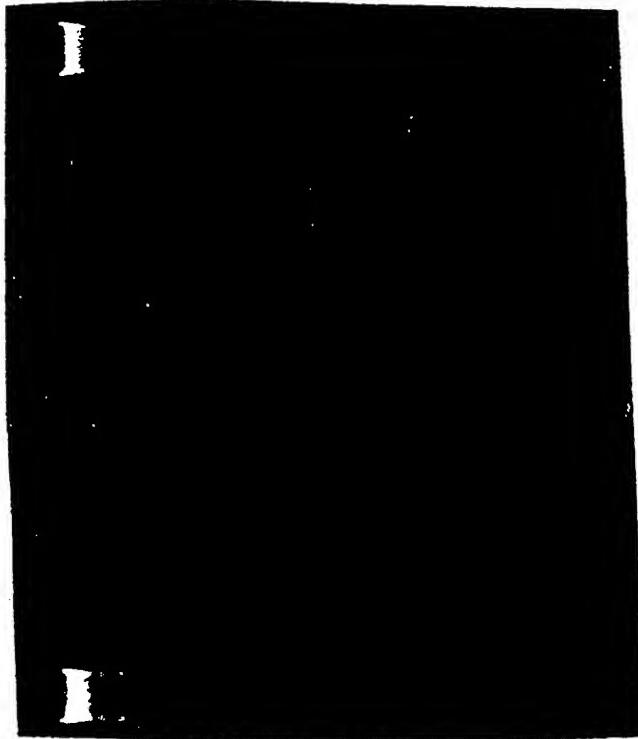


Fig. 6

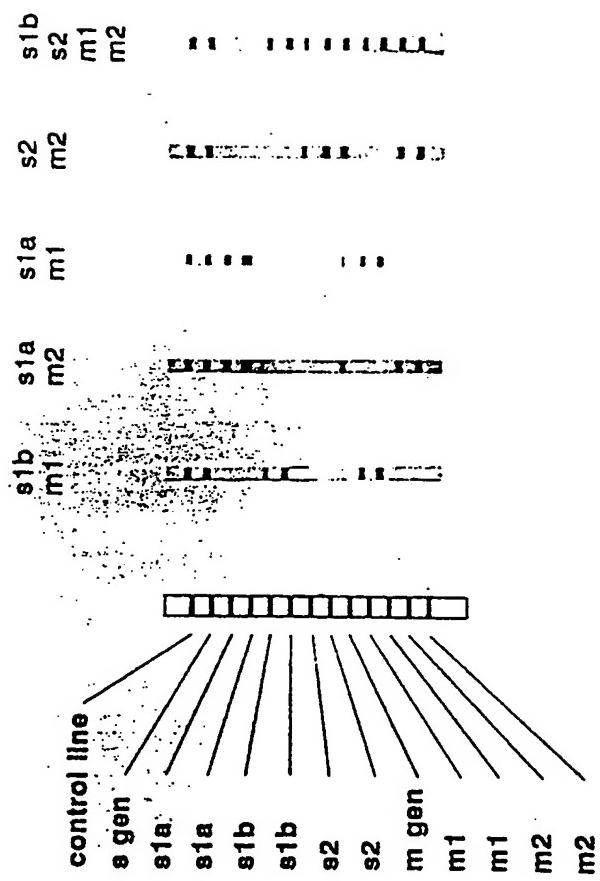
isolate 25

M A B C D E F G M



506/517
— 396
— 220
— 154
— 75

Fig. 7



Outline of *Helicobacter pylori* vacA LiPA

Fig. 8

multiplex PCR vacA s/m and caga

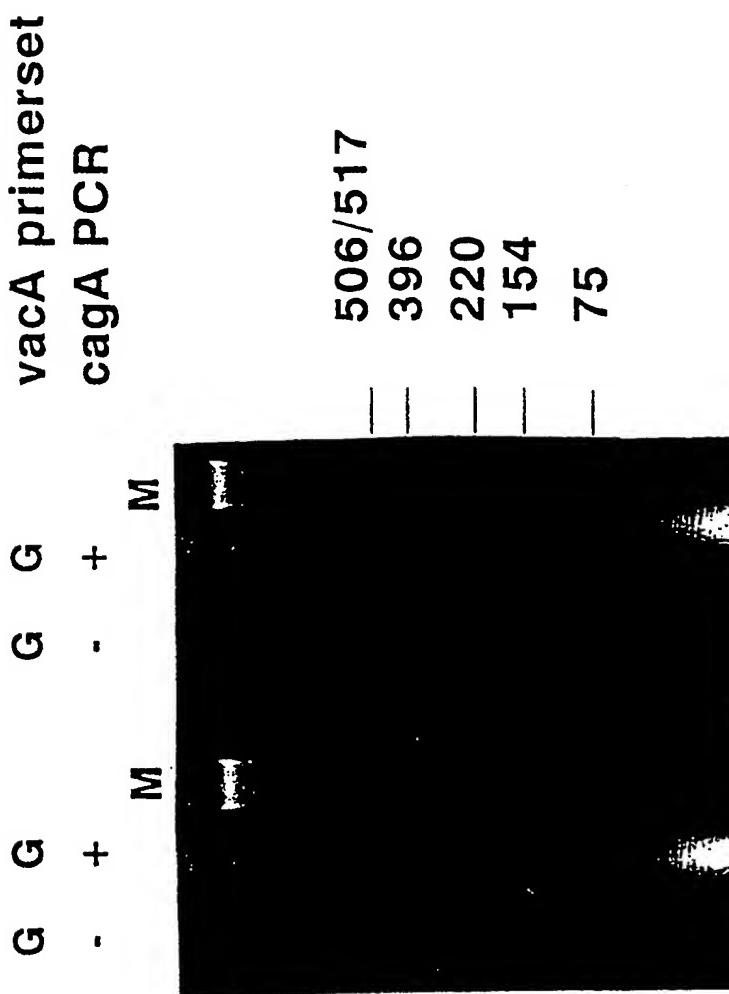


Fig. 9

16/61

Figure 10 Alignment of caga nucleic acid sequences

START ORF	CagSF (seq id no 19; fwd)
AMST7001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAG
AMS23001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
8832001C2	ATGGCTAACGAAACTATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AUS10001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
HPCAJCEU2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AMS45001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AM79001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AUS5001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AUS21RCAG2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
I16001C2	ATGACTAACGAAACTATTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AI9001C2	ATGACTAACGAAACTATTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC
I17001C2	ATGACTAACGAAACTATTAA-C---CAACAGC-----CACAAAC
AMB2001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AUS1001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
HPMAJCEU2	ATGACTAACGAAACTATTGA-C---CAACAAC-----CACAAAC
AM105001C2	ATGACTAACGAAACTATTGA-T---CAACAAC-----CACAAAC
JJ123001C2	ATGACTAACGAAACCATTAA-C---CAACAAC-----CACAAAC
JJ39001C2	ATGACTAACGAAACTATTGTCAAACAAAGAACCCAGACCAAG
HHK7001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
HHK12001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
HKH8001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
CH2001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
CH4001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
HK9001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA
38828001C2	ATGACTAACGAAACCATTGTCAAACAAACCCAGATCAAACACCAA

AMST7001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AMS23001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
8832001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AUS10001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
HPCA1CEU2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AMS45001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AM79001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AUS5001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AUS21.RCAG2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
116001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AI9001C2	TGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
117001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AM82001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AUS1001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
HPMAJCEU2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
AM105001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
J123001C2	CGAAGGGGGCTTTAACCGCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	85
J390001C2	CCAAACAGGCTTTGATCCGGCAACCAATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
HK70001C2	TCAAACAGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
HK120001C2	CCAAACAGGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
HK80001C2	CCAAACAGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
CH20001C2	TCAAACAGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
CH40001C2	TCAAACAGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
HK90001C2	CCAAACAGGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100
88280001C2	CCAAACAGGATTGTTGCCGCAACGATTATCAATAATCTTCAGTAGCTT	100

cagSR (seq id no 20; rev)

F1 (Tumuru¹)

AMST7001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAATAGGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AMS23001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
8832001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AUS10001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
HPCAI CEU2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AMS45001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AM79001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AUS50001C2	ATTATTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AUS21RCAG2	ATCATTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
I16001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AI9001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
I17001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AM82001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
AUS10001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
HPMAJCEU2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGGGAAATCTC	185
AM105001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGATGGAATCTC	185
J123001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	185
J39001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
HK7001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
HK12001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
HK8001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
CH2001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
CH4001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
HK9001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200
8828001C2	ATCGTTGATAAGAACGGATAAGGATAAACAGGCAAGCTTTGAGAAAATCTC	200

***** . ***** . ***** . ***** . ***** . ***** . ***** . ***** . ***** .

cagfN1 (seq id no 21)

20/61

cagR (seq id no 13) cagprobe3 (seq id no 27)

AMST7001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AMS23001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
8832001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AUS10001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
HPCAICEU2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AMS45001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AM79001C2	ACAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AUS5001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AUS21RCAG2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
I16001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
A19001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
I17001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AM82001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AUS1001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
HPPMAJCEU2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
AM105001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
J123001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
J39001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
HHK7001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	235
HK8001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	250
CH2001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTCCAATAAACGATCAAATTCCTACCAAAA	250
J14001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTGCCATAAGGGATCAAATTCCTGCCAAAA	250
HK9001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTGCCATAAGGGATCAAATTCCTGCCAAAA	250
J3828001C2	GCAATTAAAGGGAAAGAATACTGCCATAAGGGATCAAATTCCTGCCAAAA	250

21/61

cagRN1 (seq id no 22)

AMST7001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AMS23001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
8832001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AUS10001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
HPCAICEU2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AM5001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAAACTTATCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AM79001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AUS5001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AUS21RCAG2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
I16001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
A19001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
I17001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AM82001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AUS10001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
HPMAJCEU2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTAAATCAAC	285
AM105001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGACTTAATCAAC	285
J123001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAAGCTTTACAGTAAGAGCAGTGATTAAATCAAC	285
J39001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAAGCTTTACAGTAAGAGCAGTGATTAAATCAAC	300
HK7001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
HK12001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
HK8001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
CH2001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
CH4001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
HK9001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300
8828001C2	AGAATCAGTATTTCAGACTTTCAATTAAAGAGCAATGATTGATCAAC	300

AMST7001C2	AAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AMS23001C2	AAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
8832001C2	AAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AUS10001C2	AAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
HPCAICEU2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AMS45001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AM79001C2	AAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AUS50001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AUS21RCAG2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
I.16001C2	AAAAGACCGCTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
A19001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
I17001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AM82001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AUS10001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCATAAAAGCTTCAGAAATT	335
HPMAJCEU2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
AM105001C2	AAAGACAACTCTCATTGATGTAGAATCTTCCACAAGAGCTTCAGAAATT	335
J1230001C2	AAAGACAGTCTCATTGATAACAGGTCTTCCATAAGAGCTTCAGAAATT	335
J39001C2	AAAGACAGTCTCATTGATAACAGGTCTTCCATAAGAGCTTCAGAAATT	335
HK70001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
HK120001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
HK80001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
CH20001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
CH40001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
HK90001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350
8828001C2	AAAGACAACTCTCATTGCTGTAGATCTCCGTAGAGACCTTAAGAAATT	350

23/61

AMST7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AMS23001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
8832001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AUS10001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
HPCAICEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AMS45001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AM79001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AUS50001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AUS21RCAG2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAATG	385
I16001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAATG	385
AI9001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
I17001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AM82001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AUS10001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
HPPAJCEU2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
AM105001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
J123001C2	TGGGACTCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
J39001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCATCAAAACG	385
HK7001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
HK12001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
HK8001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
CH20001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
CH40001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
HK90001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400
8828001C2	TGGGGATCAGCGTTACCGAATTTCACAAAGTGGGTCCCTTCAAAAAG	400

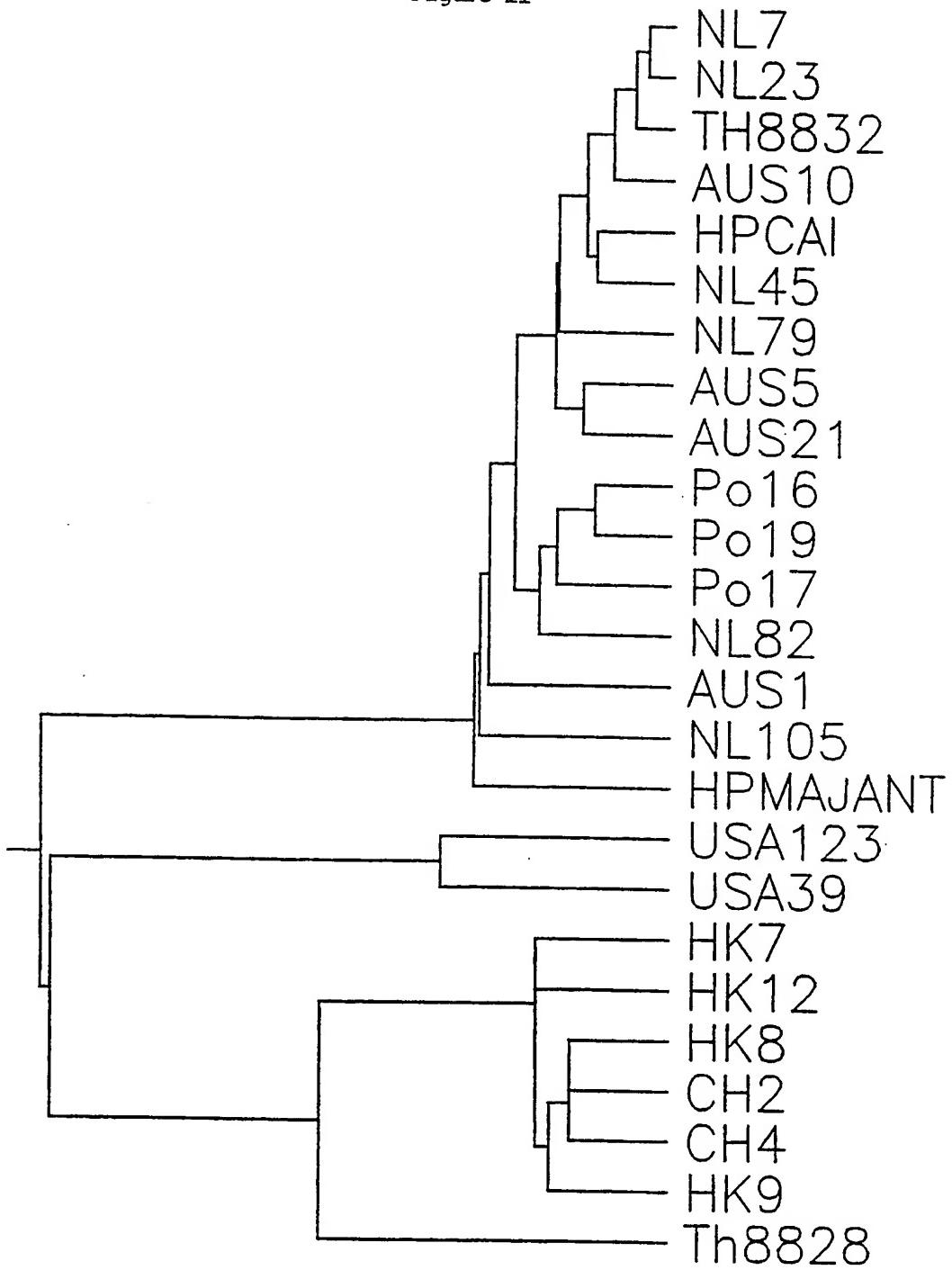
24/61

AMST7001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AMS23001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
8832001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AUS10001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
HPCAICEU2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AMS45001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AM79001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AUS50001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AUS21RCAG2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
I16001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
A19001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
I17001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AM820001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AUS10001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
HPIAJCEU2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
AM1050001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGATCGATCGAAATTTCATGGAAATATTC	435
J1230001C2	ATCCCATCTAAATCAACACCCAAAAAATCCGAGGTATGGAAATATTC	435
J390001C2	ATCCCATCTAAATCAACACCCAAAAAATCCGAAGATTTCATGGAAATATTC	450
HK70001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCGACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
HK120001C2	ATCCGTCTCAAAATCAACACCCGACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
HK80001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCAAACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
CH20001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCAAACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
CH40001C2	ATCCGTCTCAAAATCAACACCCAAACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
HK90001C2	ATCCGTCTCAAATCAACACCCGACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450
88280001C2	ATCCGTCTAAATCAACACCCAAACAAATCCGAATTTATGGAAATATTC	450

AMST7001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 92)
AMS23001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 93)
8832001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 94)
AUS10001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 95)
HPCAICEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. X70039)
AMS45001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 96)
AM79001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 97)
AUS5001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 98)
AUS21RCAG2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 99)
I16001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 100)
A19001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 101)
I17001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 102)
AM82001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 103)
AUS1001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 104)
HPMAJCEU2	ATACAACCCCTAT	449	(Genbank access. L11714)
AM105001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 105)
J123001C2	ATACAACCCCTAT	449	(seq id no 106)
J39001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 107)
HK7001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 108)
HK12001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 109)
HK8001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 110)
CH2001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 111)
CH4001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 112)
HK9001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 113)
8828001C2	ATACAACCCCTAT	464	(seq id no 114)

¹ Tummaru et al., 1993. Inf. & Immun. 61, 5, 1799-1809.

Figure 11



27/61

Figure 12 Alignment of vacA s1 and s2 sequences

s2	<p>1</p> <pre> 29401_SSEQ CCCCTATTATTCTCGCTTTAGTGGGGTGTAAATGGGCACCGAACCTGG C3 964_SSEQ C-----C-----C-----C-----T-----A- C4 599_SSEQ C-----C-----C-----C-----T-----A- F24_SSEQ C-----C-----C-----C-----T-----A- J26_2001 C-----C-----C-----C-----T-----A- F28_SSEQ C-----C-----C-----C-----T-----A- AUS_24001 C-----C-----C-----C-----T-----A- C4 600_SSEQ C-----C-----R-----C-----A-----A- AUS_15001 C-----C-----CA-----A-T-----A- F90_SSEQ C-----C-----A-----A-----A-----A- J154_4001 C-----C-----A-----A-----A-----A- CR3001 C-----C-----A-----A-----A-----A- </pre>
s1c	<pre> HK4_3001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. N3_001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK5_1001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK4_1001 C-----C-AG-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK3_5001 C-----C-AG-----T-A---GG---CA---T-AC---. 95_24001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. TH8_835001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. TH8_828001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. 95_20001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK4_8001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK4_6001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. TH8_832001 T-----T-A---GG---CA---T-AC---. HK4_4002 C-----C-GG-A-----C-A---GG---CA---T-AC---. HK4_2001 C-----C-GG-----C-A---GG---CA---T-AC---. </pre>

1

CH2001	-C-GG-
NIP2001	-C-GG-
CH4001	-C-GG-
N5001	-C-GG-
NIP1001	-C-GG-
TH8839001	-T-AG-
HK67001	-C-GG-

s1b

F68_SS	-T-AG-----CT-T-----CA-A-C---G--TA--T-AT----
AUS5001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-TG--AT----
AUS19001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
C4602_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---T-TA-G--AT----
TH8837001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
C4601_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
C4598_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-T-AT----
F69_SS	-T-AG-----T-----CA-NA-C---N-TA-TG--AT----
9011001	-T-GG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
9022001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
F12_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
F76_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-T-AT----
F73_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
F67_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
9016001	-T-GG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
9019001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
F88_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-TG--AT----
F70_SS	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-TG--AT----
J133001	-T-AG-----T-----CA-A-C---GG-TA-TG--AT----
J174001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-TG--AT----
CR1001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----
CR18001	-T-AG-----T-----CA-A-C---G--TA-G--AT----

29/61

1
 F25_SS
 9013001
 F46_SS
 F8_SS
 F43_SS
 F63_SS
 F31_SS
 F42_SS
 9012001

-----T-AG-----T-----CA--A-C---G---TA---G---AT---..
 -----T-GG-----T-----CA--A-C---G---TA---T---AT---..
 -----T-GG-----T-----CA--A-C---G---TA---T---AT---..
 -----T-GG-----T-----CA--A-C---G---TA---T---AT---..
 -----T-AG-----T-----CA--A-C---G---TA---T---AT---..
 -----T-AG-----T-----CANNAC---G---TA---R---AT---..
 -----T-AG-----T-----CA--A-C---G---TA---G---AT---..
 -----C-GG-----G-T-----CA--A-C---G---TA---T---AC---..

s1a

HP07145_S1
 J123001
 F30_SS
 C4330_SS
 C4705_SS
 J178001
 43504_SS
 C4819_SS
 C5825_SS
 F32_SS
 HK66001
 CH5001
 CH3001
 CH8001
 CH7001
 F74_SS
 AUS10001

-----C-GG-----A--A-CA---G-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----T-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----T-AG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----T-AG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----T-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----C-GG-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----T-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..
 -----Y-GG-----A--A-CA---GR-TA-YRY-AY---..
 -----C-----A--A-CA---GG-CA---T-AC---..

30/61

S2

51

29401_SSEQ	GGGCTAACACGCCAAATGATCCCATACACAGCGAGAGTCGCCTTTTC
C3 964_SSEQ	-----C-----C-----C-----T
C4 599_SSEQ	-----C-----C-----C-----C-----
F24_SSEQ	-----T-----C-----C-----C-----
J26_2001	-----T-----C-----C-----C-----
F28_SSEQ	-----C-----C-----C-----C-----
AUS_24001	-----C-----C-----C-----C-----
C4 600_SSEQ	-----C-----C-----C-----C-----
AUS_15001	-----C-----C-----C-----C-----
F90_SSEQ	-----C-----C-----C-----C-----
J15_4001	-----T-----T-----C-----C-----
CR3001	-----T-----T-----C-----C-----

S1C

HK4_3001	-----A-----AA-AGT---G-----T-----C-----C-----T
N3_001	-----A-----AA-AGT---G-----T-----C-----C-----T
HK5_1001	-----AA-AGT---G-----T-----C-----C-----T
HK4_1001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
HK3_5001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
95_24001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
TH8_835001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
TH8_828001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
95_20001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
HK4_8001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
HK4_6001	-----A-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
TH8_832001	-----A-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
HK4_4002	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T
HK4_2001	-----AA-AGT---G-----C-----C-----T

31/61

32/61

51	F25_SS 9013001	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F46_SS	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F8_SS	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F43_SS	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F63_SS	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F31_SS	GAGAGT--G-.....	C-.....
	F42_SS	CA-ACT--G-.....	T-.....
	9012001	CA-AGT--G-.....	C-.....
		A-	CA-AGT--G-.....	C-.....

S2

	101	ACAAACCGTGATCATTCAGCCATTGGGG	(Genbank access. U29401)
29401_SSEQ	-	-	(seq id no 115)
C3964_SSEQ	-	-	(seq id no 116)
C4599_SSEQ	-	-	(seq id no 117)
F24_SSEQ	-	-	(seq id no 118)
J262001	-	-	(seq id no 119)
F28_SSEQ	-	-	(seq id no 120)
AUS24001	-	-	(seq id no 121)
C4600_SSEQ	-	-	(seq id no 122)
AUS15001	-	-	(seq id no 123)
F90_SSEQ	-	-	(seq id no 124)
J154001	-	-	(seq id no 125)
CR3001	-	-	-

S1C

HK43001	-	-	(seq id no 126)
N3001	-	-	(seq id no 127)
HK51001	-	-	(seq id no 128)
HK41001	-	-	(seq id no 129)
HK35001	-	D-	(seq id no 130)
95_24001	-	G-	(seq id no 131)
TH8835001	-	-	(seq id no 132)
TH8828001	-	-	(seq id no 133)
95_20001	-	G-	(seq id no 134)
HK48001	-	T-C-G-	(seq id no 135)
HK46001	-	-	(seq id no 136)
TH8832001	-	A-	(seq id no 137)
HK44002	-	AT-M-	(seq id no 138)
HK42001	-	G-	(seq id no 139)

101

CH2001	---	M	---	(seq id no 140)
NIP2001	---	---	---	(seq id no 141)
CH4001	---	H	---	(seq id no 142)
N5001	---	Y	A	(seq id no 143)
NIP1001	---	---	A	(seq id no 144)
TH8839001	---	T	G-T	(seq id no 145)
HK67001	---	---	C-----CCCCC	(seq id no 146)

S1b

F68_SS	---	---	---	(seq id no 147)
AUS5001	---	A	T	(seq id no 148)
C4602_SS	---	G	---	(seq id no 149)
TH8837001	---	G	---	(seq id no 150)
C4601_SS	---	G	---	(seq id no 151)
C4598_SS	---	G	---	(seq id no 152)
F69_SS	---	N	---	(seq id no 153)
9011001	---	---	G	(seq id no 154)
9022001	---	---	---	(seq id no 155)
F12_SS	---	G	---	(seq id no 156)
F76_SS	---	G	---	(seq id no 157)
F73_SS	---	G	---	(seq id no 158)
F67_SS	---	G	---	(seq id no 159)
9016001	---	V	G-A-	(seq id no 160)
9019001	---	G	---	(seq id no 161)
F88_SS	---	G	---	(seq id no 162)
F70_SS	---	G	---	(seq id no 163)
J133001	---	G	---	(seq id no 164)
J174001	---	R	---	(seq id no 165)
CR1001	---	A	---	(seq id no 166)
CR18001	---	G	A	(seq id no 167)
				(seq id no 168)

101

F25_SS	-	-	-	(seq id no 169)
9013001	-	-	-	(seq id no 170)
F46_SS	-	-	-	(seq id no 171)
F8_SS	-	-	-	(seq id no 172)
F43_SS	-	-	-	(seq id no 173)
F63_SS	-	-	-	(seq id no 174)
F31_SS	-	-	-	(seq id no 175)
F42_SS	-	-	-NNNN-	(seq id no 176)
9012001	-	-	-	(seq id no 177)

s1a

HP07145_S1	-	-	-	(Genbank U07145)
J123001	-	-	-	(seq id no 178)
F30_SS	-	-	-	(seq id no 179)
C4330_SS	-	-	-A-	(seq id no 180)
C4705_SS	-	-	-A-	(seq id no 181)
J178001	-	-	-G	(seq id no 182)
43504_SS	-	-	-	(seq id no 183)
C4819_SS	-	-	-G-	(seq id no 184)
C5825_SS	-	-	-	(seq id no 185)
F32_SS	-	-	-N-	(seq id no 186)
HK66001	-	-	-T-	(seq id no 187)
CH5001	-	-	-G-	(seq id no 188)
CH3001	-	-	-G-	(seq id no 189)
CH8001	-	-	-T-	(seq id no 190)
CH7001	-	-	-T-	(seq id no 191)
F74_SS	-	-	-R-	(seq id no 192)
AUS10001	-	-	-T-	(seq id no 193)

Figure 13

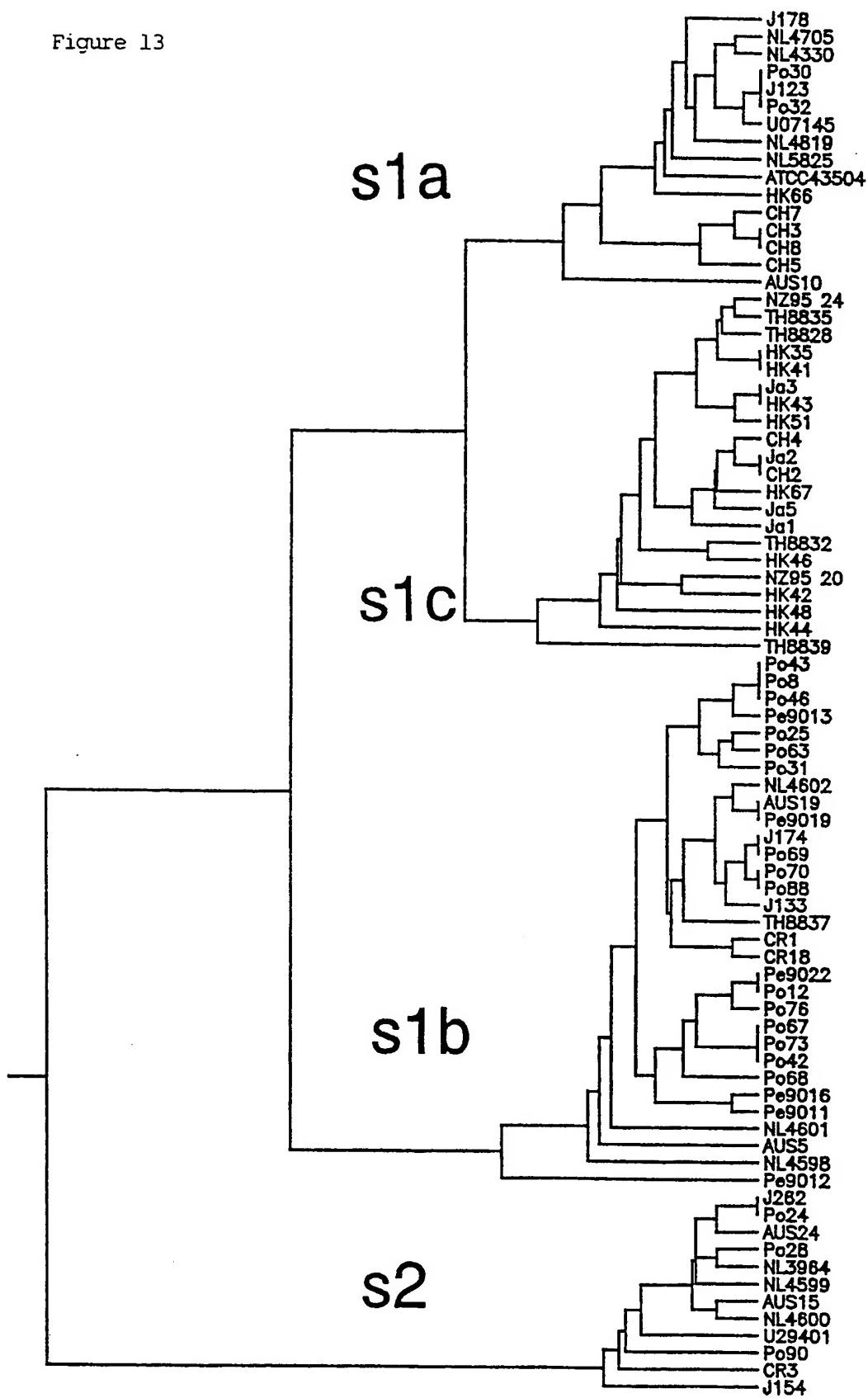


Figure 14

Alignment of vacA m-region nucleic acid sequences

1 -----T-----A-----T-----T-----
J133001 -----T-----A-----T-----T-----
F24_M -----T-----A-----T-----T-----
J174001 -----T-----A-----T-----T-----
AUS15001 -----C-----T-----A-----T-----
TH8835001 -----T-----A-----T-----T-----
TH8828001 -----T-----A-----T-----G-----T-----
J262001 -----T-----A-----T-----T-----
F90_M -----G-----T-----A-----T-----T-----
TH8839001 -----T-----A-----T-----C-----T-----
TH8837001 -----T-----A-----T-----C-----T-----
AUS24001 -----T-----A-----T-----C-----T-----
F28_M -----T-----A-----T-----T-----
9016_2001 -----T-----A-----T-----A-----T-----
9013_2001 -----T-----A-----T-----T-----
9012_2001 -----T-----A-----T-----ATC-----G-----T-----G-----T-----
HK41001 -----ATC-----G-----T-----G-----T-----
HK46002 -----ATC-----G-----T-----G-----T-----
CH4001 -----ATC-----C-----G-----T-----G-----T-----
07145_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
05676_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
CE26C001 -----T-----A-----A-----A-----A-----
F12_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
C4601_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
CE56C001 -----T-----A-----A-----A-----A-----
CE197001 -----T-----A-----A-----A-----A-----
C4602_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
C5654_M -----T-----A-----A-----A-----A-----
CH3001 -----T-----A-----A-----A-----A-----
CH5001 -----T-----A-----A-----A-----A-----

39 / 61

40/61

51

29401_M	CACGAATTAAAGAGTGAATGGCCATAACCGCTCATTIAAAAACATTGATG
05677_M	-----G-----T-----
HK43001	-----G-----T-----
HK66001	-----G-----T-----
N1AI001	-----G-----T-----
N5AI001	-----G-----T-----
C5825_M	-----G-----T-----
CE91C001	-----G-----T-----
C4598_M	-----G-----T-----
F68_M	-----G-----T-----
HK42001	-----G-----T-----
HK54001	-----G-----T-----
HK33001	-----G-----T-----
HK52001	-----C-----G-----T-----
HK50001	-----G-----T-----
HK29001	-----G-----T-----
HK47001	-----A-----G-----T-----
HK51001	-----A-----G-----T-----
CE192C001	-----G-----G-----T-----
F76_M	-----G-----T-----
HK35001	-----A-----G-----T-----
C4084_M	-----A-----G-----T-----
N2_2001	-----A-----G-----T-----
CR3001	-----G-----T-----
AUS5001	-----G-----T-----
J154001	-----G-----T-----
F31_M	-----G-----T-----
J123001	-----G-----T-----

41/61

۱۵

42/61

CH7001	T-----A
CR2001	T-----A
F67_M	T-----A
9019001	T-----A
9012_1001	T-----A
9022001	T-----A
9011001	T-----A
9016_1001	T-----A
CR1001	T-----A
CR18001	T-----A
AUS10001	T-----A
NIP76001	T-----A
NIP32001	T-----A
N3AII001	T-----A
AUS1001	T-----A
F30_M	T-----A
F32_M	T-----A
J178001	T-----A
N1B001	T-----A
N5B001	T-----A
HK40001	T-----A
HK39001	T-----A
CH8001	T-----A
HK44001	T-----A
HK45001	T-----A
HK55001	T-----A
HK30001	T-----A
HK47002	T-----A
HK49001	T-----A
HK48001	T-----A

101

29401_M	CTACAAAGAGCGATAACGGGCTAAACACTAGCACCTGGATTCAGTGGC
05677_M	-C-----T-----G-T-----T-----
HK4_3001	-C-----T-----TG-T-----G-C-----
HK6_6001	-C-----C-----G-T-----G-C-----
N1AI001	-C-----G-T-----G-T-----G-C-----
N5AI001	-C-----G-T-----G-T-----G-C-----
C5825_M	-C-----C-----C-----C-----
CE91C001	-C-GT-----T-----T-----C-----
C4598_M	-GT-----G-T-----T-----C-----
F68_M	-C-GT-----G-T-----Y-----C-----
HK4_2001	-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK54001	-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK33001	-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK52001	-C-GC-----TG-T-----T-----C-----
HK50001	-C-GT-----TG-T-----G-T-----T-----
HK29001	-C-GT-----TG-T-----G-T-----T-----
HK47001	-C-GT-----T---T-----G-T-----T-----
HK51001	-C-GT-----G-T-----G-T-----G-C-----
CE192C001	-C-GT-----T-T-----T-----
F76_M	-C-GT-----T-T-----G-T-----G-----
HK35001	-C-----TG-T-----G-C-----
C4084_M	-C-GT-----T-T-----G-T-----G-C-----
N2_2001	-C-T-----T-T-----G-T-----T-----
CR3_001	-C-GT-----G-T-----T-----C-----
AUS5001	-C-GC-----G-T-----T-----C-----
J154_001	-GT-----G-T-----T-----C-----
F31_M	-C-GC-----G-T-----C-----
J123_001	-C-GC-----T-----T-----C-----

101

J133001	-C-GT-----	G-T-----	T-C-----
F24_M	-C-GT-----	TG-T-----	T-C-----
J174_001	-C-GT-----	-G-T-----	T-C-----
AUS15001	-C-----	T-----	G-C-----
TH8835001	-C-----	T-----	T-C-----
TH8828001	-C-GT-----	T-----	G-C-----
J262001	-C-GTG-----	G-T-----	T-C-----
F90_M	-C-GT-----	GYT-----	T-C-----
TH8839001	-C-----	T-----	G-C-----
TH8837001	-C-GC-----	T-----	G-C-----
AUS24001	-C-GT-----	G-T-----	T-C-----
F28_M	-C-GT-----	C-----	T-----
9016_2001	--GT-----	G-T-----	G-C-----
9013_2001	-C-T-----	T-----	G-C-----
9012_2001	-C-T-----	T-----	G-C-----
HK41001	-C-GC-----	G-TAGA-T-TA-CG-----	C-C-TT-----
HK46002	-C-GC-----	G-TAGA-T-TA-CG-----	C-C-TT-----
CH4001	-C-GC-----	G-TAGA-T-TA-CG-----	C-CT-TT-----
07145_M	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
05676_M	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
CE26C001	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
F12_M	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
C4601_M	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
CE56C001	-GGGC-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
CE197001	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
C4602_M	-GGGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
C5654_M	-GGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
CH3001	-GGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----
CH5001	-GGT-TG-T-G-TT-----	A-----	A-----

CH7001	101--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----
CR2001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
F67_M	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
9019001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
9012_1001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
9022001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
9011001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
9016_1001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
CR1001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
CR18001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
AUS10001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
NIP76001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
NIP32001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
N3AI1001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
AUS1001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
F30_M	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
F32_M	-GGGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
J178001	-GGGT--TG-T-G-TT--	-CA-----A-----T-----T
N1B001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
N5B001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----C-----T-----T
HK40001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
HK39001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
CH8001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
HK44001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----C-----T-----T
HK45001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----C-----T-----T
HK55001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
HK30001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----T-----T
HK67002	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----C-----T-----T
HK49001	--GGT--TG-T-G-TT--	-AT-----A-----C-----T-----T
HK48001	--GGT--TG-T-G-TT--	-A-----A-----C-----T-----T

46/61

151
GTTACAGACAAGTCAATACTAACAGCTCAACTACGGCTCACTAATGTC
29401_M
05677_M
HK43001
HK66001
N1AI001
N5AI001
C5825_M
CE91C001
C4598_M
F68_M
HK42001
HK54001
HK33001
HK52001
HK50001
HK29001
HK47001
HK51001
CE192C001
F76_M
HK35001
C4084_M
N2_2001
CR3001
AUS5001
J154001
F31_M
J123001

151

J133001			-AT-
F24_M		-T-	-AT-
J174001			-AT-
AUS15001			-AT-
TH8835001			-AT-
TH8828001		-A-	-
J262001		-AT-	-
F90_M		-AT-	-
TH8839001		-G-	-
TH8837001		-T-	-T-
AUS24001		-AT-	-
F28_M		-T-	-AT-
9016_2001		-A-G-	-A-
9013_2001		-A-G-	-A-
9012_2001		-A-G-	-T-C-A-
HK41001		-A-G-	-C-A-
HK46002		-A-G-	-C-A-C-
CH4001			-A-
07145_M			-T-T-
05676_M		-A-G-	-T-T-
CE26C001		-GT-G-	-T-T-
F12_M		-GT-G-	-TC-A-T-
C4601_M		-GT-G-	-TC-A-T-
CE56C001		-G-	-T-A-T-
CF197001		-G-	-T-A-T-
C4602_M		-GT-G-	-TC-T-
C5654_M		-A-	-T-A-T-
CH3001		-G-	-T-A-T-
CH5001		-G-	-T-A-T-

CH7001	151	-A-	-T--	-A-	-T-
CR2001		-GT-G-	-	-TC-A-	T-
F67_M		-GT-G-	-	-TC-A-	T-
9019001		-GT-G-	-	-TC-A-	T-
9012_1001		-GT-G-	-	-TC-A-	T-
9022001		-G--GT-T-	-	-T-	T-
9011001		-GT-G-	-	-TC-A-	T-
9016_1001		-GT-G-	-	-TA-	T-
CR1001		-T--T-	-	-T-	T-
CR18001		-TC-A--T-	-	-T-	T-
AUS10001		-T-A-	-	-T-	T-
NIP76001		-A--G-	-	-T-	T-
NIP32001		-A--G-	-	-T-	T-
N3AII001		-A--G-	-	-T-	T-
AUS1001		-T-A-	-	-T-	T-
F30_M		-GT-G-	-	-T-	T-
F32_M		-GT-G-	-	-T-	T-
J178001		-GT-G-C-	-C-	-T-	T-
NNB001		-A-G-	-	-T-A-	T-
NN5B001		-A-G-	-	-T-A-	T-
HK40001		-A-G-	-	-T-A-	T-
HK39001		-A-G-	-	-T-A-	T-
CH8001		-G-	-	-T-A-	T-
HK44001		-A-G-	-	-A-T-	A-T-
HK45001		-A-G-	-	-A-T-	A-T-
HK55001		-A-G-	-	-T-A-	A-T-
HK30001		-A-G-	-	-T-A-	A-T-
HK67002		-A-G-	-	-T-A-	A-T-
HK49001		-A-G-	-	-T-A-	A-T-
HK48001		-A-G-	-C	-	

49/61

50/61

201

J133001	--CG-----	A-----
F24_M	--CG-----	A-----
J174001	--CG-----	A-----
AUS15001	--C-----	G-----
TH8835001	--C-----	A-----
TH8828001	--C-----	A-----
J262001	--CG-----	G-----
F90_M	--CR-----	G-----
TH8839001	--C-----	A-----
TH8837001	--CG-----	A-----
AUS24001	--CG-----	A-----
F28_M	--C-----	A-----
9016_2001	--C-----	C-----
9013_2001	--TCC-----	A-----
9012_2001	--TCC-----	A-----
HK41001	-GCC-----	T-----
HK46002	-GCC-----	T-----
CH4001	-TCC-----	T-----
07145_M	-GCCG-----	CA-----
05676_M	-GCCG-----	CA-----
CE26C001	-GCCGC-----	CA-----
F12_M	-GCCG-----	CA-----
C4601_M	-GCCG-----	CA-----
CE56C001	-GCC-----	CA-----
CE197001	-GCC-----	CA-----
C4602_M	-GCCG-----	AACA-----
C5654_M	-GCCG-----	CA-----
CH3001	-GCC-----	CA-----
CH5001	-GCC-----	CA-----

CH7001	201-GCC-	-CA-	-T-	-A-	-AA-	-G-A
CR2001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
F67_M	-GCCGC-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
9019001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--G-G
9012_1001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
9022001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
9011001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
9016_1001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--G-G
CR1001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--G-G
CR18001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
AUS10001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
NIP76001	-GCC-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
NIP32001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
N3AI1001	-GCCG-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
AUS1001	-GCC-	-CA-	-T-	-A-T-	-A-	-AA--GGG
F30_M	-GCCG-	-CA-	-T-	-T-	-T-	-AG--AA--GGG
F32_M	AGCCG-	-CA-	-T-	-T-	-T-	-AG--AA--GGG
J178001	-GCCG-	-CC-	-T-	-A-T-G-	-A-	-AA--GGG
N1B001	-GCC-	-CA-	-T-	-T-	-A-	-AA--GGG
N5B001	-GCCG-	-CA-	-T-	-T-	-A-	-AA--GGG
HR40001	-GCCG-	-CA-	-GT-	-T	-A-	-AA--GGG
HK39001	-GCCG-	-CA-	-GT-	-T	-A-	-AA--GGG
CH8001	-GCC-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK44001	-GCCG-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK45001	-GCCG-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK55001	-GCC-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK30001	-GCCG-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK67002	-GCCG-	-CA-	-T-	-T	-A-	-AA--GGG
HK49001	-GCC-	-T-CA-	-T	-T	-A-	-AA--GGG
HK48001	-GCC-	-CA-	-T-	-A-	-AA-	-GGG

251 AGAGTTGGCAATACACTATTTGGGAAATAAGGCATAAGTCT

29401_M	
05677_M	-A-----
HK43001	-----
HK66001	-----
N1AI001	-A-----
N5AI001	-A-----
C5825_M	-A-----
CE91C001	-A-----
C4598_M	-A-----
F68_M	-A-----
HK42001	-A-----
HK54001	-A-----
HK33001	-A-----
HK52001	-A-----
HK50001	-A-----
HK29001	-A-----
HK47001	-A-----
HK51001	-A-----
CE192C001	-----
F76_M	-----
HK35001	-----
C4084_M	-----
N2_2001	A-----
CR3001	C-A--G
AUS5001	-----
J154001	-----
F31_M	-----
J123001	-A-----

251

J133_001	-
F24_M	-A-
J174_001	-
AUS15001	-
TH8835001	-
TH8828001	-
J262_001	-
F90_M	-A-
TH8839001	-A-
TH8837001	-
AUS24001	-A-
F28_M	-
9016_2001	-
9013_2001	-
9012_2001	-
HK41001	T--G-G-A--GA--AC--G-----
HK46002	T--G-G-A--GA--AC--G-----
CH4001	T--G-G-A--GA--AC--G-----
07145_M	TA--G-G-G-T--CA--A--G-----
05676_M	T--CG-G-G--CA---A--G-----
CE26C001	T--G-G-G--CA---A--G-----
F12_M	T--G-G-G--CA---A--G-----
C4601_M	TA--G-G-G--CA---A--G-----
CE56C001	T--CG-G-G--CA---A--G-----
CE197001	T--G-G-G--CA---A--G-----
C4602_M	TA--G-G-G--CA---A--G-----
C5654_M	T--G-G-G--TA---A--G-----
CH3001	TA--CG-G-G--CA---A--G-----
CH5001	TA--CG-G-G--CA---A--G-----

CH7001	251TA---CG-G---G-----A-----A-----G-----AG-C-A-G
CR2001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
F67_M	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
9019001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
9012_1001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
9022001	T----CG-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
9011001	T----G-G---G-----TA-----A-----G-----AG-C-A-G
9016_1001	T----G-G---G-----TA-----A-----G-----AG-C-A-G
CR1001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
CR18001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
AUS10001	TA----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
NIP76001	T----CG-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
NIP32001	T----CG-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
N3AI1001	T----CG-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
AUS1001	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
F30_M	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
F32_M	T----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
J178001	TA----G-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
N1B001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
N5B001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK40001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK39001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
CH8001	TA----CG-G---G-----CA-----A-----G-----AG-C-A-G
HK44001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK45001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----AG-C-A-G
HK55001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK30001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK67002	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G
HK49001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----AG-C-A-G
HK48001	TA----G-G---G-----A-----A-----G-----A-C-A-G

55, '61

3' 01
CGCATTGGTGTGAGTTGCAAACGGGATATAGCCCCGCCTATTCCTGG
- - - - T - - - -
- - - - T - - - -
- A - - - - T - C - -
HK43001
HK66001
N1AI001
N5AI001
C5825_M
CE91C001
C4598_M
F68_M
HK42001
HK54001
HK33001
HK52001
HK50001
HK29001
HK47001
HK51001
CE192C001
F76_M
HK35001
C4084_M
N2_2001
CR3001
AU55001
J154001
F31_M
J123001

301

J1333001	T
F24_M	T
J174001	T
AUS15001	T
TH8835001	T
TH8828001	T
J262001	T
F90_M	T
TH8839001	T
TH8837001	T
AUS24001	T
F28_M	A
9016_2001	T
9013_2001	T
9012_2001	T
HK41001	A
HK46002	A
CH4001	A
07145_M	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-ACTT-TC
05676_M	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
CE26C001	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
F12_M	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
C4601_M	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
CE56C001	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
CE197001	CAACAC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
C4602_M	CAA-AC-C-G-A-CAC-G-T-GT-AAT-T-
C5654_M	CAACAC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
CH3001	CAACAC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-
CH5001	CAA-AC-C-G-T-CAC-G-T-GT-AAT-T-

CH7001	301-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
CR2001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
F67_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
9019001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
9012_1001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
9022001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
9011001	-A---CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
9016_1001	-A---CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
CR1001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
CR18001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
AUS10001	-A---CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
N1_P'6001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
NIP32001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
N3AII001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
AUS1001	-----CAACAC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
F30_M	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
F32_M	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
J178001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
N1B001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
N5B001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK40001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK39001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
CH8001	-----CAA-AC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK44001	-----CAACAC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK45001	-----CAA-AC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK55001	-----CAA-AC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK30001	-----CAACAC-----C-----G-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK67002	-----CAACAC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK49001	-----CAACAC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----
HK48001	-----CAACAC-----C-----AG-----T-----CAC-----GT-----AAT-----

351 GGGCGTTACTTT (Genbank U29401)
29401_M -----
05677_M -----
HK43001 ----- (seq id no 194)
HK66001 ----- (seq id no 195)
N1AI001 ----- (seq id no 196)
N5AI001 ----- (seq id no 197)
C5825_M ----- (seq id no 198)
CE91C001 ----- (seq id no 199)
C4598_M ----- (seq id no 200)
F68_M ----- (seq id no 201)
HK42001 ----- (seq id no 202)
HK54001 ----- (seq id no 203)
HK33001 ----- (seq id no 204)
HK52001 ----- (seq id no 205)
HK50001 ----- (seq id no 206)
HK29001 ----- (seq id no 207)
HK47001 ----- (seq id no 208)
HK51001 ----- (seq id no 209)
CE192C001 ----- (seq id no 210)
F76_M ----- (seq id no 211)
HK35001 ----- (seq id no 212)
C4084_M ----- (seq id no 213)
N2_2001 ----- (seq id no 214)
CR3001 ----- (seq id no 215)
AU5001 ----- (seq id no 216)
J154001 ----- (seq id no 217)
F31_M ----- (seq id no 218)
J123001 ----- (seq id no 219)

351

J133001	-----	(seq id no 220)
F24_M	-----	(seq id no 221)
J174001	-----	(seq id no 222)
AUS15001	-----	(seq id no 223)
TH8835001	-----	(seq id no 224)
TH8828001	-----	(seq id no 225)
J262001	-----	(seq id no 226)
F90_M	-----	(seq id no 227)
TH8839001	-----	(seq id no 228)
TH8837001	-----	(seq id no 229)
AUS24001	-----	(seq id no 230)
F28_M	-----GC-----	(seq id no 231)
9016_2001	-----	(seq id no 232)
9013_2001	-----	(seq id no 233)
9012_2001	-----	(seq id no 234)
HK41001	-----	(seq id no 235)
HK46002	-----	(seq id no 236)
CH4001	-----	(seq id no 237)
07145_M	-----T----AA--	(Genbank U07145)
05676_M	-----T--C-AA--	(Genbank U05676)
CE26C001	-----T----AA--	(seq id no 238)
F12_M	-----T----AA--	(seq id no 239)
C4601_M	-----T----AA--	(seq id no 240)
CE56C001	-----T--C-AA--	(seq id no 241)
CE197001	-----T----AA--	(seq id no 242)
C4602_M	-----T--C-AA--	(seq id no 243)
C5654_M	-----T----AA--	(seq id no 244)
CH3001	-----T----AA--	(seq id no 245)
CH5001	-----T----AA--	(seq id no 246)

CH7001	351C--T----AA---	(seq id no 247)
CR2001	C--T----AA---	(seq id no 248)
F67_M	C--T----AA---	(seq id no 249)
9019001	C--T----AA---	(seq id no 250)
9012_1001	--T----AA---	(seq id no 251)
9022001	--T--C-AA---	(seq id no 252)
9011001	--T--C-AA---	(seq id no 253)
9016_1001	--T--C-AA---	(seq id no 254)
CR1001	--T--C-AA---	(seq id no 255)
CR18001	--T--C-AA---	(seq id no 256)
AUS10001	--T--C-AA---	(seq id no 257)
NIP76001	--T--C-AA---	(seq id no 258)
NIP32001	--T--C-AA---	(seq id no 259)
N3AI1001	--T--C-AA---	(seq id no 260)
AUS1001	--T--C-AA---	(seq id no 261)
F30_M	--T--C-AA---	(seq id no 262)
F32_M	--T--C-AA---	(seq id no 263)
J178001	--T--C-AA---	(seq id no 264)
N1B001	--T--AA---	(seq id no 265)
N5B001	--T--AA---	(seq id no 266)
HK40001	--T----AG---	(seq id no 267)
HK39001	--T----AG---	(seq id no 268)
CH8001	C--T----AA---	(seq id no 269)
HK44001	--T----AG---	(seq id no 270)
HK45001	--T----AG---	(seq id no 271)
HK55001	--T----AG---	(seq id no 272)
HK30001	--T----AG---	(seq id no 273)
HK67002	--T----AA---	(seq id no 274)
HK49001	--T----AG---	(seq id no 275)
HK48001	--T----AG---	(seq id no 276)

61/61

Figure 15

